

## Utilização de técnicas de análise multivariadas no estudo da diversidade genética em quixabeira (*Sideroxylon obtusifolium*)

*Utilization of multivariate analysis techniques in the study of genetic diversity in Quixabeira (Sideroxylon obtusifolium)*

<sup>1</sup>Instituto Agronômico de Pernambuco (IPA), Av. General San Martin, 1371, Bongi, CEP 50761-000, Recife, PE, Brasil

\*autor correspondente  
✉ [abel\\_agro@yahoo.com.br](mailto:abel_agro@yahoo.com.br)

Francisco Abel Lemos Alves<sup>1\*</sup>

**RESUMO:** Devido à pressão antrópica sofrida pelo seu extrativismo, a quixabeira está na lista de espécies ameaçadas de extinção. A estimativa da diversidade genética é considerada como um pré-requisito para iniciar um programa de conservação e melhoramento genético. O objetivo desse trabalho foi caracterizar a diversidade genética entre 22 acessos de quixabeira (*S. obtusifolium*), por meio da avaliação de características morfológicas de folhas, frutos e sementes, e determinar a correlação dessas características e sua importância no estudo da variabilidade entre os genótipos, utilizando como parâmetro técnicas de análise multivariada. Os acessos avaliados foram provenientes de uma área de Caatinga, localizada no município de Sertânia - Pernambuco, Brasil. A diversidade genética entre as plantas foi estimada pela distância de Mahalanobis ( $D^2$ ), os agrupamentos foram realizados pelos métodos hierárquico UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean), Otimização de Tocher e Variáveis Canônicas. A importância relativa das características em relação à diversidade genética também foi estimada. Dentre as variáveis analisadas para a diversidade, as ligadas ao fruto e semente se destacaram. Os acessos avaliados apresentam divergência genética entre si. Os métodos de análise multivariados utilizados para o estudo da divergência genética entre esses genótipos agruparam-nos em quatro, sete ou dez grupos, dependendo do método utilizado. As características que mais contribuíram para a identificação da diversidade genética entre esses acessos foram a relação comprimento/diâmetro da semente, relação comprimento/diâmetro do fruto e comprimento da semente. Essas características foram correlacionadas positivamente e significativamente entre si e com o diâmetro da semente e diâmetro do fruto.

**PALAVRAS-CHAVE:** Conservação de germoplasma, espécies da caatinga, melhoramento genético.

**ABSTRACT:** Due to the anthropic pressure suffered by its extraction, *Quixabeira* is on the list of species threatened with extinction. Estimating genetic diversity is considered a prerequisite for starting a conservation and genetic improvement program. The work aimed to characterize the genetic diversity among 22 accessions of *Quixabeira* (*S. obtusifolium*), through the evaluation of morphological characteristics of leaves, fruits and seeds, and to determine the correlation of these characteristics and their importance in the study of the variability between genotypes, using multivariate analysis techniques as a parameter. The accessions evaluated came from an area of Caatinga, located in the municipality of Sertânia, Pernambuco, Brazil. The genetic diversity between the plants was estimated by the Mahalanobis distance ( $D^2$ ), the groupings were performed by the hierarchical UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean), Tocher Optimization and Canonical Variables. The relative importance of the genetic diversity characteristics was also estimated. Among the variables analyzed for diversity, those related to fruit and seed stood out. The evaluated accessions present genetic divergence between them. The multivariate analysis methods used to study the genetic divergence between these genotypes grouped them into four, seven or ten groups, depending on the method used. The characteristics that most contributed to the identification of genetic diversity between these accessions were the length/diameter ratio of the seed, length/diameter ratio of the fruit and length of the seed. These characteristics were positively and significantly correlated with each other, and with the seed and fruit diameter.

**KEYWORDS:** Breeding, caatinga species, germplasm conservation.

## Introdução

No Brasil existem cerca de 500 espécies de plantas frutíferas em sua maioria ainda pouco estudadas. Dentre elas está a quixabeira (*Sideroxylon obtusifolium*), também conhecida como quixaba, sapotiaba, sacutiaba, coronilha, coca, maçaranduba-da-praia, miri e rompe-gibão. Ela é uma árvore caducifólia ou semidecídua, espinescente, de 7-8 m de altura, dotada de copa densa e baixa, com folhas simples, cartáceas, glabras e brilhantes na fase superior. Apresenta inflorescências dispostas em fascículos axilares, com 2-20 flores esbranquiçadas, perfumadas e discretas, formadas em outubro e novembro. Possui frutos do tipo drupa, lisos, com polpa suculenta de sabor doce, que ficam maduros em janeiro e fevereiro (LORENZI et al., 2006).

Os frutos são do tipo bacoide, variando de globosos a elipsoides, indeiscentes, monospermiados, com epicarpo fino de coloração roxo-brilhante, as sementes variam de globosas e elipsoides, bitegumentadas, de coloração castanho-claro e com tegumento duro e impermeável à água, de germinação epigea, e as plântulas são criptocotiledonares, com início do processo de germinação no 12º dia e término no 21º dia após a sementeira (SILVA et al., 2012).

A quixabeira ocorre desde o México até a América do Sul. No Brasil essa espécie ocorre em solos úmidos, preferencialmente em solos argilosos ricos em cálcio, em regiões de várzeas e beira de rios da Caatinga arbórea da Região Nordeste, além de ser encontrada na restinga da costa litorânea do Ceará e do Rio Grande do Sul, na mata chaquenha do Pantanal Mato-Grossense e Vale do São Francisco (LORENZI, 2002).

Devido à pressão antrópica sofrida pelo seu extrativismo, a quixabeira está na lista de espécies ameaçadas de extinção (SILVA; DANTAS, 2013). Ela é utilizada para diversos fins, dentre eles temos a arborização urbana e rural, recuperação da mata ciliar, construção civil, fitoterapia e alimentação humana e animal (SILVA et al., 2014). Na medicina popular, serve para o tratamento de pancadas, feridas, gripe, gastrite, úlceras, azia, lesão genital, dor nos rins, cólicas, problemas renais, problemas cardíacos, diabetes, expectorante, anticâncer e inflamações (ARAÚJO-NETO et al., 2010). Os frutos são importantes fontes de nutrientes para a população da zona rural da Região Nordeste do Brasil (NASCIMENTO et al., 2011) e sua forragem, muito utilizada na alimentação animal de pequenos ruminantes nessas regiões (ARAÚJO et al., 2010).

O aproveitamento socioeconômico de espécies frutíferas nativas da Caatinga e a demanda por estudos mais avançados de conservação de material genético são fundamentais para termos ferramentas para o desenvolvimento sustentável local. O conhecimento e o estabelecimento de materiais vegetais superiores, resistentes e adaptados às condições de cada local são importantes para a conservação da diversidade e melhoramento genético para os fins desejados.

A estimativa da diversidade genética é considerada como um pré-requisito para iniciar um programa de conservação e melhoramento genético de uma espécie. Existem poucos trabalhos na literatura disponíveis sobre o assunto em quixabeira. Assim, o objetivo desse trabalho foi caracterizar a diversidade genética entre 22 acessos de quixabeira (*S. obtusifolium*), por meio da avaliação de características morfológicas de folhas, frutos e

sementes e determinar a correlação dessas características e sua importância no estudo da variabilidade entre os genótipos, utilizando como parâmetro técnicas de análise multivariada.

## Material e Métodos

O estudo foi realizado no mês de janeiro do ano de 2017, em uma área de Caatinga localizada no município de Sertânia - Pernambuco, Brasil. As coordenadas do local de estudo são 8°03'52" S e 37°13'28" W.

Segundo a classificação de Köpen, o clima da região é do tipo Bsh' — semiárido quente, com média de precipitação pluviométrica anual de 635 mm e temperatura de 25 °C. A altimetria da área está em torno de 558 metros (GOMES et al., 2016).

As plantas foram selecionadas ao acaso, com distância mínima entre as árvores de 20 m (SILVA et al., 2014). A altura da planta, diâmetro à altura do peito, número de bifurcações de cada planta, comprimento, largura, espessura, diâmetro e relação comprimento/diâmetro de folhas, frutos e sementes dos 22 acessos de quixabeira (*Sideroxylon obtusifolium*) foram medidos por meio de fita métrica, paquímetro digital da marca Matrix®, clinômetro digital da marca Statron® e régua graduada, segundo metodologia descrita em Imaña-Encinas et al. (2009). A caracterização da biometria das folhas, frutos e sementes de cada acesso foi realizada pela coleta e medição de 100 folhas, 100 frutos e 100 sementes (SILVA et al., 2014).

A medição das folhas foi realizada diretamente da planta. Os frutos maduros íntegros foram coletados diretamente do solo sob a copa das árvores. Após a coleta, os frutos foram acondicionados em sacos plásticos e colocados em caixa de isopor, com gelo, sendo conduzidos ao laboratório da Estação Experimental José Nilson de Melo — Caruaru - PE, para obtenção dos dados morfométricos.

O beneficiamento dos frutos, após as medições foi feito colocando-os em bandejas de plástico de 5,5 L contendo água, nas quais permaneceram por 24 horas, para o amolecimento da polpa. A polpa e sementes foram separadas por meio de maceração sobre peneira e água corrente. As sementes foram secas em temperatura ambiente por um período de sete dias, antes das medições.

Os dados obtidos foram avaliados inicialmente pela análise de variância (ANOVA) e as médias, comparadas pelo teste de Scott e Knott (1974), em nível de 5% de probabilidade.

A herdabilidade no sentido amplo foi calculada pelo estimador:  $h^2 = (\sigma_g^2 / \sigma_f^2) \times 100$ ; onde:  $\sigma_g^2$  = variância genética e  $\sigma_f^2$  = variância fenotípica. A variância genética foi calculada pelo estimador:  $\sigma_g^2 = (MSTreat - MSRes) / J$ ; onde: MSTreat = média do quadrado do tratamento; MSRes = média do quadrado do resíduo e J = número de repetições (RÊGO et al., 2011).

A diversidade genética entre os acessos foi estimada utilizando a medida de dissimilaridades expressa pela distância Mahalanobis ( $D^2$ ), segundo Cruz, Regazzi e Carneiro (2012). Realizou-se o agrupamento pelo método hierárquico UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean), método de Otimização de Tocher (RAO, 1952) e Variáveis Canônicas (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A importância relativa das características em relação à diversidade genética foi estudada segundo método de Singh (1981) e análise de variáveis canônicas (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). As correlações entre as características foram obtidas como descrito por Alves et al. (2016), que testaram a probabilidade de 1 e 5% pelo teste t.

As análises dos dados foram realizadas com o auxílio dos programas estatísticos GENES® - Aplicativo Computacional em Genética e Estatística (CRUZ, 2001) e Assistat® 7.7 (SILVA; AZEVEDO, 2006).

## Resultados e Discussão

A tabela 1 apresenta a altura (A) e o diâmetro à altura do peito (DAP) de cada acesso de quixabeira (*S. obtusifolium*) caracterizado nesse estudo. De acordo com esses parâmetros, são observadas variabilidades fenotípicas entre os acessos em relação a esses parâmetros. Os acessos que tiveram as maiores alturas, acima da média, foram: 1, 3, 5, 14, 15, 16, 18 e 22; e abaixo da média, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13 e 19. Quanto ao diâmetro à altura do peito, os acessos 1, 4, 17 e 18 foram os que possuíam os maiores valores e os acessos 6, 7, 8, 9, 11, 12, 13 e 21, os menores valores, esses significativos em comparação aos outros acessos (Tabela 1).

O número de bifurcação por planta também foi bem diferente entre os acessos. Os acessos 6, 12, 14, 15 e 16 foram os que obtiveram os maiores números por planta e os acessos 1, 3, 4, 8 e 17, os menores (Tabela 1).

As diferenças observadas entre essas características fenotípicas entre os acessos podem ter sido devido à diferença de idade entre as plantas, possíveis manchas de solo (com diferentes teores de nutrientes e/ou profundidades), diferença climática entre os microambientes ou, mesmo, ação antrópica nas áreas etc.

Cabral (2009), estudando a influência dos parâmetros biométricos sobre o teor de taninos em 63 acessos de quixabeira no município de Águas Belas - PE, verifica uma alta variabilidade na altura da planta e diâmetro à altura do peito. A altura da planta variou de 2,0 a 8,0 m (C.V = 27,73%) e o diâmetro à altura do peito varia de 0,22 a 1,53 m (C.V = 42,02%). Esses resultados corroboram os apresentados neste trabalho, em que a altura da planta varia de 3,5 a 8 m e o diâmetro à altura do peito de 0,22 a 1,31 m. A pesquisa também foi realizada em condições de Caatinga, sem registro da idade das plantas e/ou ação antrópica na área.

A análise de variância pelo teste F ( $p < 0,01$ ) revela diferença significativa entre os acessos de quixabeira em relação ao comprimento (C), diâmetro (D), relação comprimento/diâmetro (C/D) de frutos e sementes e a ( $p < 0,05$ ) para a largura (L) das folhas. Não foram detectadas diferenças significativas entre comprimento (C) e espessura (E) das folhas (Tabela 2).

A razão entre o coeficiente de variação genético (CVg) e ambiental (CVe) acima de 1 (um) foram observados para o comprimento e relação comprimento/diâmetro do fruto e comprimento, diâmetro e relação comprimento/diâmetro da semente. A faixa de herdabilidade ( $h^2$ ) para essas características varia de 91,34 a 99,76, o que indica um alto controle genético para a variabilidade dessas características. Para a largura

da folha e diâmetro do fruto, a razão entre CVg/CVe ficou abaixo de 1 (um), o que aponta para um domínio do ambiente na variabilidade dessas características (Tabela 2). Algumas características fenotípicas, a exemplo do tamanho das folhas, caule, raízes e frutos das plantas podem ser influenciadas pelas condições edafoclimáticas do ambiente na qual elas estão inseridas. Os estresses bióticos e abióticos aos quais as plantas estão expostas reduzem o crescimento e desenvolvimento das plantas (ALVES et al., 2015). No entanto, a utilização de técnicas adequadas de irrigação, adubação e manejo pode propiciar um aumento no crescimento, desenvolvimento e produção das plantas (ALVES et al., 2019).

De acordo com a análise univariada de Scott-Knott ( $p < 0,05$ ), os acessos foram divididos em grupos de dois (CFo), quatro (DFr e CFr/DFr), cinco (CFr), sete (CSem), seis (DSem) e doze (CSem/DSem) (Tabela 3). Os acessos estudados apresentaram variação média no comprimento (16,47 a 61,86 mm), largura (8,01 a 20,3 mm) e espessura (0,13 a 0,56 mm) da folha; comprimento (7,34 a 11,87 mm), diâmetro (7,40 a 12,13 mm), relação comprimento/diâmetro (0,90 a 1,22) do fruto; comprimento (5,94 a 9,03 mm), diâmetro (3,65 a 5,46 mm) e relação comprimento/diâmetro (1,22 a 1,86 mm) da semente (Tabela 3).

A caracterização da variabilidade genética de plantas de quixabeira por meio das características fenotípicas de frutos e sementes pode ser viável para a seleção de genótipos superiores para os atributos desejáveis. Estudos da caracterização de frutos e sementes de acessos de quixabeira mostram uma variação média no comprimento do fruto de 8,55 a 15,63 mm. O diâmetro do fruto varia de 5,19 a 21,76 mm (GARRIDO et al., 2007; SILVA et al., 2012, 2014). O comprimento médio da semente varia de 6,54 a 10,00 mm. O diâmetro da semente varia de 4,40 a 6,32 mm (SILVA et al., 2012, 2014). Os valores encontrados para essas características neste trabalho estão de acordo com esses relatos.

Os acessos 2, 4, 5, 6, 7, 9, 10, 13 e 15 foram os que obtiveram os maiores valores para a relação comprimento/diâmetro dos frutos e o acesso 13, o maior valor para a relação comprimento/diâmetro da semente, em comparação aos outros. Dependendo do objetivo de seleção a ser realizado, tem-se a possibilidade de escolha por uma relação maior ou menor para essas características.

Constatada a existência de variabilidade genética entre os genótipos pelo método estatístico univariado (Scott-Knott), procedeu-se o estudo da diversidade genética entre os acessos pelos métodos multivariados. O método de agrupamento de Tocher reuniu os 22 acessos de quixabeira em dez grupos distintos. O grupo I foi representado pelos acessos 5, 10 e 20; o grupo II, pelos 3, 11 e 17; o grupo III, pelos 7 e 13; o grupo IV, pelos 16 e 21; o grupo V, pelos 6, 18 e 22; o grupo VI, pelos 9 e 14; o grupo VII, pelos 1 e 4; o grupo VIII, pelos 12, 15 e 19; o grupo IX, pelo 8; e o grupo X, pelo 2 (Tabela 4).

De acordo com o dendrograma obtido pelo método de agrupamento hierárquico UPGMA, os acessos de quixabeira foram reunidos em quatro grupos, considerando o corte de 61,51% da distância genética relativa, conforme o critério mencionado por Alves et al. (2016), no qual os pontos de alta mudança de nível são considerados delimitadores do número de genótipos para determinado grupo. O grupo I foi composto

**Tabela 1.** Altura da planta (A) e o diâmetro à altura do peito (DAP) de cada bifurcação por planta de acessos de quixabeira (*S. obtusifolium*) coletados no município de Sertânia - Pernambuco, Brasil.

Acesso	Altura da planta (A)	Bifurcação	Diâmetro à altura do peito (DAP)	
	(m)		(m)	
1	6,5	1	1,22	0,99 ab
		2	0,77	
2	5,5	1	0,43	0,42 def
		2	0,41	
		3	0,43	
3	7,0	1	0,79	0,55 bcde
		2	0,31	
4	5,5	1	1,31	1,31 a
5	6,5	1	0,63	0,59 bcde
		2	0,47	
		3	0,66	
6	4,5	1	0,23	0,22 f
		2	0,20	
		3	0,23	
		4	0,24	
		5	0,22	
7	4,0	1	0,36	0,32 ef
		2	0,30	
		3	0,29	
8	4,0	1	0,32	0,32 ef
		2	0,32	
9	3,5	1	0,25	0,27 ef
		2	0,29	
		3	0,26	
10	5,0	1	0,37	0,54 cdef
		2	0,76	
		3	0,48	
11	5,5	1	0,30	0,37 ef
		2	0,36	
		3	0,46	
12	5,0	1	0,45	0,39 ef
		2	0,41	
		3	0,28	
		4	0,44	
		5	0,39	
13	5,5	1	0,36	0,42 ef
		2	0,36	
		3	0,48	
		4	0,46	
14	6,5	1	0,45	0,56 bcde
		2	0,77	
		3	0,53	
		4	0,46	
		5	0,57	

Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem entre si pelo teste de agrupamento de Tukey ( $p < 0,05$ ).

Tabela 1. Continuação...

Acesso	Altura da planta (A)	Bifurcação	Diâmetro à altura do peito (DAP)	
	(m)			(m)
15	7,5	1	0,53	0,60 bcde
		2	0,57	
		3	0,70	
		4	0,76	
		5	0,42	
16	7,5	1	0,97	0,76 bcd
		2	0,82	
		3	0,69	
		4	0,62	
		5	0,71	
17	6,0	1	0,91	0,91 abc
		2	0,90	
18	8,0	1	0,79	0,87 bc
		2	1,26	
		3	0,52	
		4	0,90	
19	5,0	1	0,51	0,42 def
		2	0,30	
		3	0,46	
20	6,0	1	0,33	0,43 def
		2	0,39	
		3	0,52	
		4	0,51	
		5	0,39	
21	6,0	1	0,33	0,39 ef
		2	0,33	
		3	0,47	
		4	0,43	
22	7,0	1	0,41	0,45 def
		2	0,48	
		3	0,51	
		4	0,39	
<b>Média</b>	<b>5,80</b>	<b>3,45</b>	<b>0,52</b>	<b>0,52</b>
<b>CV (%)</b>				<b>25,04</b>

Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem entre si pelo teste de agrupamento de Tukey ( $p < 0,05$ ).

pelos acessos 8, 16 e 14; o grupo II, pelos 11, 20, 19, 17 e 18; o grupo III, pelos 1 e 21; o grupo IV, pelos 3, 12, 22, 2, 10, 5, 15, 7, 4, 9, 6, 13 (Figura 1).

Na análise das variáveis canônicas, as duas primeiras variáveis — relação entre comprimento/diâmetro da semente e do fruto — explicaram 89,72% da variação total entre os acessos de quixabeira, possibilitando boa confiabilidade da variabilidade entre os genótipos no plano bidimensional (Tabela 5). Uma descrição razoável da diversidade genética dos genótipos pode ser feita por essas duas variáveis. Segundo Cruz, Regazzi e Carneiro (2012), é necessário que as primeiras variáveis canônicas excedam 80% do valor acumulado para

explicar a variabilidade manifestada entre os indivíduos, levando a interpretação do fenômeno com considerável simplificação dos caracteres. Ao analisar o gráfico de dispersão dos escores das variáveis canônicas, observa-se a formação de sete grupos. O grupo I representado pelos acessos 3, 12, 22, 2, 10, 6, 15, 5 e 4; o grupo II, pelos 11, 20, 19, 18 e 17; o grupo III, pelos 8, 16 e 14; o grupo IV, pelos 1 e 21; o grupo V, pelo 7; o grupo VI, pelo 13; e o grupo VII, pelo 9 (Figura 2).

Os métodos de agrupamento dos genótipos foram bem divergentes entre si em relação à similaridade dos genótipos. No entanto, os métodos de agrupamentos UPGMA e variáveis canônicas classificaram os genótipos 12, 15, 10, 5, 22 e 6 como

**Tabela 2.** Análise de variância e estimativas do coeficiente de variação ambiental ( $CV_e$ ), da razão entre os coeficientes de variação genético ( $CV_g$ ) e ambiental ( $CV_e$ ), da herdabilidade no sentido amplo ( $h^2$ ) do comprimento (C), largura (L), espessura (E), diâmetro (D) e relação comprimento/diâmetro (C/D) de folhas, frutos e sementes de acessos de quixabeira (*S. obtusifolium*) coletados no município de Sertânia - Pernambuco, Brasil.

FV	GL	Quadrado médio								
		Folha			Fruto			Semente		
		C	L	E	C	D	C/D	C	D	C/D
Acessos	21	1.177,26 <sup>ns</sup>	136,85*	0,12 <sup>ns</sup>	18,25**	15,81**	0,11**	7,58**	1,99**	0,38**
Resíduo	198	1.027,81	84,56	0,13	0,86	1,53	0,00	0,02	0,09	0,00
$CV_g$ %	-	11,74	15,87	0,00	13,88	13,21	9,26	11,85	9,00	12,66
$CV_e$ %	-	97,83	63,48	0,00	9,84	13,61	8,99	2,10	6,12	1,96
$CV_g/CV_e$	-	0,12	0,25	0,00	1,41	0,97	1,03	5,64	1,47	6,47
$h_{2\%}$	-	12,69	38,21	0,00	95,27	90,30	91,34	99,69	95,59	99,76

<sup>ns</sup> não significativo. \*significativo a 5%. \*\*significativo a 1% pelo teste F.

**Tabela 3.** Média do comprimento (C), largura (L), espessura (E), diâmetro (D) e relação comprimento/diâmetro (C/D) de folhas, frutos e sementes de acessos de quixabeira (*S. obtusifolium*), coletados no município de Sertânia, Pernambuco, Brasil.

Acesso	Folha			Fruto			Semente		
	C (mm)	L (mm)	E (mm)	C (mm)	D (mm)	C/D	C (mm)	D (mm)	C/D
1	23,81 a	11,29 b	0,22 a	8,34 e	8,31 c	1,00 c	6,45 g	4,27 e	1,51 g
2	36,91 a	17,32 a	0,30 a	10,73 b	9,19 c	1,17 a	7,50 e	4,77 d	1,57 e
3	35,88 a	13,54 b	0,34 a	9,33 d	8,72 c	1,07 b	7,19 e	4,41 e	1,63 d
4	33,66 a	18,57 a	0,41 a	10,71 b	9,26 c	1,16 a	8,58 b	4,84 d	1,78 b
5	39,08 a	18,20 a	0,28 a	10,16 c	8,68 c	1,17 a	8,21 c	5,16 b	1,59 e
6	22,24 a	8,62 b	0,39 a	11,65 a	10,51 b	1,19 a	8,16 c	4,76 d	1,71 c
7	25,32 a	11,60 b	0,28 a	9,13 d	7,51 d	1,22 a	7,49 e	4,80 d	1,56 f
8	32,58 a	20,27 a	0,20 a	9,62 c	12,13 a	0,91 d	7,34 e	5,40 a	1,36 i
9	61,86 a	14,01 b	0,45 a	11,14 b	9,27 c	1,20 a	9,03 a	5,02 c	1,80 b
10	25,58 a	15,39 a	0,23 a	10,53 b	9,27 c	1,14 a	7,81 d	4,91 d	1,59 e
11	46,44 a	10,07 b	0,50 a	8,47 e	8,50 c	1,00 c	6,47 f	5,03 c	1,29 j
12	21,60 a	17,17 a	0,26 a	9,43 d	8,73 c	1,08 b	7,36 e	4,45 e	1,66 d
13	27,02 a	20,30 a	0,29 a	9,73 c	8,27 c	1,18 a	8,11 c	4,38 e	1,86 a
14	31,43 a	13,26 b	0,56 a	9,87 c	10,86 b	0,91 d	6,70 f	5,46 a	1,23 l
15	57,47 a	12,49 b	0,26 a	10,79 b	10,22 b	1,14 a	8,26 c	5,24 b	1,58 e
16	29,27 a	12,84 b	0,30 a	11,87 a	11,29 a	1,05 b	7,82 d	5,45 a	1,44 h
17	33,41 a	14,54 b	0,21 a	7,77 e	7,46 d	1,04 c	6,47 f	5,06 c	1,38 i
18	28,49 a	8,91 b	0,27 a	7,91 e	7,40 d	1,07 b	6,68 f	5,26 b	1,27 j
19	30,06 a	17,60 a	0,49 a	7,34 e	8,70 c	0,91 d	6,00 g	4,68 e	1,28 j
20	33,25 a	15,81 a	0,13 a	7,66 e	8,59 c	0,90 d	6,29 g	5,14 b	1,22 l
21	16,47 a	8,01 b	0,21 a	7,86 e	7,89 d	1,00 c	5,94 g	3,65 f	1,63 e
22	32,84 a	17,22 a	0,24 a	8,97 d	8,29 c	1,08 b	7,65 d	4,48 e	1,71 c
Média	32,94	14,41	0,31	9,50	9,05	1,07	7,34	4,85	1,53
C.V (%)	97,33	63,81	116,01	9,78	13,69	9,02	2,10	6,12	1,96

Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem entre si pelo teste de agrupamento de Scott-Knott, ( $p < 0,05$ ).

similares; assim como o 11, 20, 19, 17 e 18; além do 8, 16 e 14; e 1 e 21, formando quatro grupos bem consistentes (Figura 1 e 2).

A análise de agrupamento (*cluster analysis*) identifica grupos de indivíduos similares após a estimação de uma matriz de dissimilaridade. Há vários métodos de agrupamento que se diferenciam pelo tipo de resultado e pelas diferentes formas de definir a proximidade entre indivíduos ou grupos formados.

Em todos os casos, não se conhece a priori, o número de grupos a ser estabelecido e diferentes métodos proporcionam diferentes resultados (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Os métodos de agrupamento baseiam-se principalmente em métodos hierárquicos e de otimização. Nos hierárquicos, destaca-se o método da distância média entre grupos (UPGMA), em que os agrupamentos são identificados na forma de

**Tabela 4.** Agrupamento dos 22 acessos de quixabeira (*S. obtusifolium*) coletados no município de Sertânia - Pernambuco, Brasil, tendo como base características morfológicas, a distância generalizada de Mahalanobis e o método de otimização de Tocher.

Grupos	Acessos
I	5, 10 e 20
II	3, 11, 17
III	7 e 13
IV	16 e 21
V	6, 18 e 22
VI	9 e 14
VII	1 e 4
VIII	12, 15 e 19
IX	8
X	2

dendrogramas dispostos em vários níveis e não leva em conta o número ótimo de grupos. Nos de otimização, destaca-se o algoritmo de Tocher, cujo objetivo é alcançar uma partição dos indivíduos que optimize (maximize ou minimize) alguma medida predefinida. Baseia-se na formação de grupos em que as distâncias dentro dos grupos sejam menores que as distâncias entre grupos, obtendo-se o número ótimo de grupos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

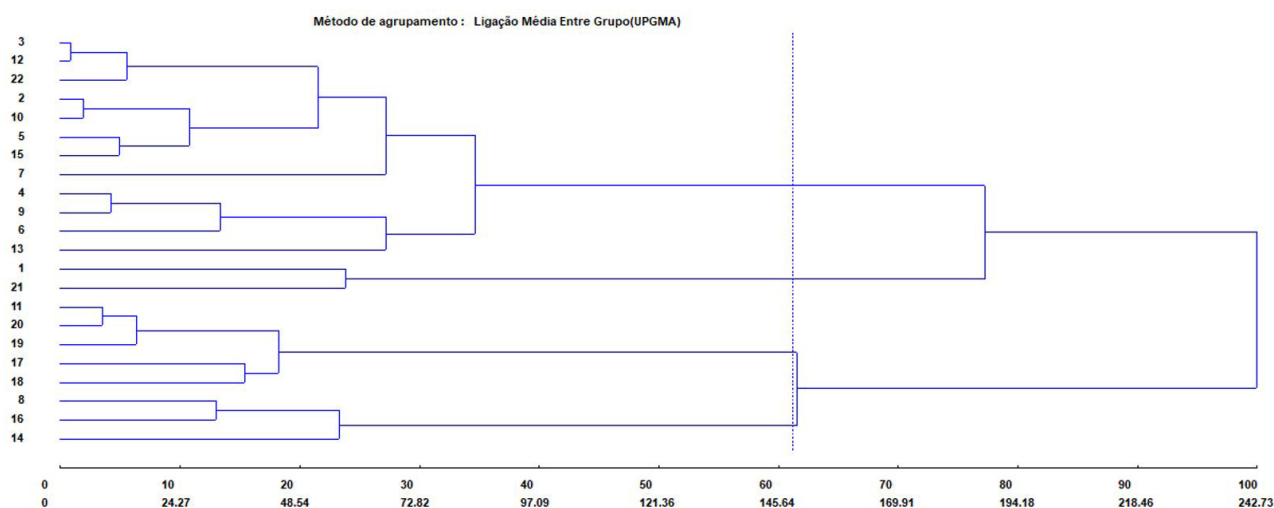
A técnica de análise de variáveis canônicas visa à redução na dimensionalidade das variáveis de forma que a nova combinação de variáveis lineares não correlacionadas resultante explique a estrutura de variância e covariância do conjunto de variáveis originais (ALVES et al., 2016; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

O uso de técnicas multivariadas na detecção da diversidade genética exige certo grau de estruturação nos dados. É importante que critérios diferentes de agrupamento sejam utilizados e que

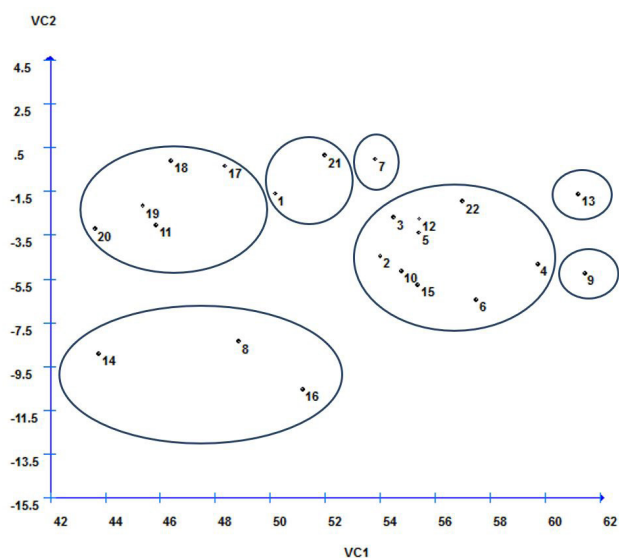
**Tabela 5.** Estimativa dos autovalores associados a variáveis canônicas e importância relativa (autovetores) referente a nove características dos acessos de quixabeira (*S. obtusifolium*).

Variável canônica	Raiz (autovalor)	Raiz (%)	Acumulada (%)	Importância relativa (autovetores)								
				CFo	LFo	EFo	CFr	DFr	CFr/DFr	CSem	DSem	CSem/DSem
1	29,43	69,29	69,29	0,0191	-0,0227	-0,0103	-0,1817	0,0710	0,3528	0,2858	0,3189	0,9814
2	8,68	20,43	89,72	-0,0196	-0,0575	-0,1217	-2,2025	0,0158	2,0353	-0,1546	-0,1596	0,0800
3	3,66	8,62	98,34	0,0630	0,0247	-0,0489	-1,2373	0,0839	1,4551	0,7501	0,4342	-0,3580
4	0,33	0,77	99,11	-0,0136	-0,6645	0,1272	0,3626	-0,0562	0,4252	-0,0921	-0,1942	-0,1083
5	0,12	0,29	99,40	0,5036	-0,2096	0,6593	0,1616	-0,3790	-0,4654	0,1690	-0,1765	-0,0401
6	0,09	0,22	99,62	0,4395	-0,0379	0,1420	-0,7067	0,9747	0,7964	0,0336	-0,2299	-0,0637
7	0,08	0,18	99,80	0,4412	-0,4614	-0,3371	-0,0039	-0,0025	-0,1774	-0,3984	0,6377	0,2916
8	0,05	0,12	99,91	0,0660	0,4066	0,4879	0,0648	0,0673	0,2726	-0,5068	0,5427	0,2246
9	0,04	0,09	100,00	0,5993	0,3881	-0,4181	0,3966	-0,2888	-0,0792	0,0606	-0,3359	-0,1365

CFo comprimento da folha (mm), LFo largura da folha (mm), EFo espessura da folha (mm), CFr comprimento do fruto (mm), DFr diâmetro do fruto (mm), CFr/DFr relação comprimento/diâmetro do fruto, CSem comprimento da semente (mm), DSem diâmetro da semente (mm), CSem/DSem relação comprimento/diâmetro da semente.



**Figura 1.** Dendrograma representativo do agrupamento pelo método UPGMA dos 22 acessos de quixabeira (*S. obtusifolium*) coletados no município de Sertânia - Pernambuco, Brasil, tendo como base características morfológicas.



**Figura 2.** Dispersão gráfica dos 22 acessos de quixabeira (*S. obtusifolium*) coletados no município de Sertânia - Pernambuco, Brasil, em relação a primeira e segunda variável canônica (VC1 e VC2) tendo como base nove características morfológicas.

**Tabela 6.** Contribuição relativa das nove características morfológicas para a diversidade genética dos 22 acessos de quixabeira (*S. obtusifolium*), por meio da metodologia de Singh (1981).

Características	Importância relativa (%)
Comprimento da folha	0,08
Largura da folha	0,22
Espessura da folha	0,11
Comprimento do fruto	12,67
Diâmetro do fruto	1,48
Relação entre o comprimento e diâmetro do fruto	5,68
Comprimento da semente	23,40
Diâmetro da semente	2,83
Relação entre o comprimento e diâmetro da semente	53,54

se considere como correta a estrutura consenso da maior parte deles, para que seja assegurado que o resultado obtido não seja um artefato da técnica utilizada (ARRIEL et al., 2006; VIANA, 2013).

A formação de dez grupos de quixabeira pelo método de Tocher, quatro pelos métodos UPGMA e sete pelo método de variáveis canônicas fornecem informações relevantes para a conservação de material genético como fonte para programas de melhoramento. Segundo Silva et al. (2011), os cruzamentos entre genótipos de grupos distintos fornecem linhagens superiores para o melhoramento de características de interesse. A obtenção de linhagens e/ou variedades, a partir de genótipos selvagens, é uma alternativa viável, pois representam plantas já adaptadas ao ambiente de cultivo. Considerando híbridos, ainda é possível contar com elevada proporção de

*locos* distintos fixados, facilitando a seleção e recombinação de alelos favoráveis (AMORIM; SOUZA, 2005).

Desta maneira, como sugestão para o programa de melhoramento para a espécie *Sideroxylon obtusifolium*, o melhorista deve considerar não somente a distância entre grupos como critério para orientar os cruzamentos, mas também o desempenho individual do genótipo para cada característica de interesse agrônomo e zootécnico (FERREIRA et al., 2003).

Na análise das variáveis canônicas, a característica que mais contribuiu para a variabilidade total na primeira variável foi a relação comprimento/diâmetro da semente e, na segunda variável, a relação comprimento/diâmetro do fruto. As características de maior importância são aquelas cujos coeficientes de ponderação (autovetores) são de maior magnitude, em valor absoluto, nas primeiras variáveis canônicas (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Essas, portanto seriam as características mais responsivas nos processos seletivos entre populações de quixabeira segundo esse método.

Na análise da contribuição relativa das características para a diversidade genética entre os 22 acessos de quixabeira por meio do método de Singh (1981), a relação comprimento/diâmetro da semente contribuiu com 53,54%, comprimento da semente com 23,40% e comprimento do fruto com 12,67% para a variabilidade total entre os acessos (Tabela 6). As outras características são de menor contribuição e pouco informativas na caracterização da variabilidade genética existente e podem ser descartadas em estudo de diversidade genética (RÊGO et al., 2011).

A característica mais importante para a diversidade genética, a relação comprimento/diâmetro da semente (CSem/DSem), está correlacionada positivamente e significativamente ( $p < 0,01$ ) com a relação comprimento/diâmetro do fruto (CFr/DFr), comprimento da semente (CSem) e ( $p < 0,05$ ) com comprimento do fruto (CFr); e negativamente ( $p < 0,05$ ) com o diâmetro da semente (DSem) (Tabela 7).

O CSem está correlacionado positivamente ( $p < 0,01$ ) com CFr, CFr/DFr e ( $p < 0,05$ ) com comprimento da folha (CFo). O DSem está correlacionado positivamente ( $p < 0,05$ ) com CFo e diâmetro do fruto (DFr). O CFr está correlacionado positivamente ( $p < 0,01$ ) com o diâmetro do fruto (DFr) e CFr/DFr (Tabela 7).

As correlações estabelecidas entre as características de folhas, frutos e sementes se devem ao fato de quanto maior a área foliar, maior a capacidade da planta em realizar fotossíntese e acúmulo de produtos fotossintatos nos frutos e sementes (ALVES et al., 2020). O processo produtivo das culturas pode ser caracterizado por meio do seu crescimento, produção e distribuição da matéria seca entre os diferentes órgãos da planta. A distribuição de matéria seca entre os diferentes órgãos de uma planta é o resultado de um conjunto de processos metabólicos e de transporte, que governam o fluxo de assimilados da fonte para o dreno (ALVES et al., 2013; LINS et al., 2013; TAIZ et al., 2017).

O conhecimento da diversidade genética e de parâmetros hereditários de uma planta é de fundamental importância e servem como ferramenta básica no conhecimento de materiais vegetais que possam ser utilizados em programas de melhoramento genético, estudos da evolução de organismos, conservação e identificação de genótipos superiores (BERTINI et al., 2001).



**Tabela 7.** Correlação fenotípica entre nove características em acessos de quixabeira (*S. obtusifolium*), coletados no município de Sertânia - Pernambuco, Brasil.

Características	CFo	LFo	EFo	CFr	DFr	CFr/DFr	CSem	DSem	CSem/DSem
CFo	1	0,10	0,30	0,28	0,17	0,19	0,43*	0,45*	0,04
LFo		1	0,11	0,11	0,18	0,00	0,30	0,12	0,20
EFo			1	0,22	0,22	-0,01	0,11	0,19	-0,07
CFr				1	0,64**	0,60**	0,85**	0,31	0,51*
DFr					1	-0,18	0,34	0,51*	-0,08
CFr/DFr						1	0,78**	-0,12	0,78**
CSem							1	0,22	0,72**
DSem								1	-0,51*
CSem/DSem									1

CFo comprimento da folha (mm), LFo largura da folha (mm), EFo espessura da folha (mm), CFr comprimento do fruto (mm), DFr diâmetro do fruto (mm), CFr/DFr relação comprimento/diâmetro do fruto, CSem comprimento da semente (mm), DSem diâmetro da semente (mm), CSem/DSem relação comprimento/diâmetro da semente. ns: não significativo. \* e \*\* significativo a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t.

O estudo da contribuição dos componentes da variância é de grande importância para o melhoramento, uma vez que a variabilidade fenotípica é o resultado conjunto dos efeitos genéticos e do ambiente. A proporção desses efeitos em relação à variância fenotípica total orienta o melhorista na escolha do método de melhoramento mais vantajoso e ao mesmo tempo facilita as predições dos ganhos de seleção (ALVES et al., 2016; BERTINI et al., 2001; RÊGO et al., 2011).

Os trabalhos que avaliam a distância genética em populações de plantas têm sido usados com sucesso para separá-los dentro de bancos de germoplasma, bem como para identificar as plantas com maior potencial em testes de hibridização ou estudos de sua evolução (RÊGO et al., 2012). A identificação de uma combinação parental é o passo mais importante para o desenvolvimento de um híbrido ou cultivar. A caracterização do grau da diversidade genética entre acessos de qualquer programa de melhoramento e de banco de genes pode ajudar a identificar novas fontes potenciais de diversidade genética útil no melhoramento de cultivares (RÊGO et al., 2003).

## Considerações Finais

Os 22 acessos de quixabeira (*S. obtusifolium*) avaliados apresentam divergência genética entre si. Os métodos de análise multivariados utilizados para o estudo da divergência genética entre esses genótipos agruparam-nos em quatro, sete ou dez grupos, dependendo do método utilizado.

As características que mais contribuíram para a identificação da diversidade genética entre esses acessos foi a relação entre o comprimento e o diâmetro da semente e do fruto, comprimento do fruto e da semente. Essas características foram correlacionadas positivamente e significativamente entre si e com o diâmetro da semente e do fruto.

## Referências

ALVES, F. A. L. et al. Germinação e estabelecimento de plântulas de cajueiro-anão precoce (*Anacardium occidentale* L.) em função da salinidade. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Pernambuco, v. 8, n. 2, p. 197-204, 2013.

ALVES, F. A. L. et al. Regulação do acúmulo de Na<sup>+</sup> e resistência à salinidade em (*Vigna unguiculata* (L.) Walp). **Pesquisa Agropecuária Pernambucana**, Recife, v. 20, n. 1, p. 1-10, 2015.

ALVES, F. A. L. et al. Study of the genetic variability, correlation and importance of phenotypic characteristics in cactus pear (*Opuntia* and *Nopalea*). **African Journal of Agricultural Research**, Nairobi, v. 11, n. 31, p. 2849-2859, 2016.

ALVES, F. A. L. et al. Influence of cladode orientation and planting season on development and chemical composition of forage cactos. **Pesquisa Agropecuária Pernambucana**, Recife, v. 24, n. 2, p. e2172242019, 2019.

ALVES, F. A. L. et al. Photosynthesis and gas exchanges of forage cactus varieties (*Opuntia* and *Nopalea*) grown under screen and irrigation. **Pesquisa Agropecuária Pernambucana**, Recife, v. 25, n. 1, p. 1-15, 2020.

AMORIM, E. P.; SOUZA, J. C. Híbridos de milho inter e intrapopulacionais obtidos a partir de populações S0 de híbridos simples. **Bragantia**, Campinas, v. 64, n. 4, p. 561-567, 2005.

ARAUJO, K. D. et al. Uso de espécies da caatinga na alimentação de rebanhos no município de São João do Cariri-PB. **Revista RA'E GA**, Curitiba, n. 20, p. 157-171, 2010.

ARAUJO-NETO, V. et al. Therapeutic benefits of *Sideroxylon obtusifolium* (Humb. Ex Roem. & Schult.) T.D. Penn., Sapotaceae, in experimental models of pain and inflammation. **Revista Brasileira de Farmacognosia**, Rio de Janeiro, v. 20, n. 6, p. 933-938, 2010.

ARRIEL, N. H. C. et al. Técnicas multivariadas na determinação da diversidade genética em gergelim usando marcadores RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Recife, v. 41, n. 5, p. 801-809, 2006.

BERTINI, C. H. C. M. et al. Ação gênica, heterose e depressão endogâmica de caracteres de produção em linhagens mutantes de algodoeiro herbáceo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Recife, v. 36, n. 7, p. 941-948, 2001.

CABRAL, D. L. V. **Influência dos parâmetros biométricos sobre o teor de taninos em *Myracrodruon urundeuva* (Engl.) Fr. All. e *Sideroxylon obtusifolium* (Humb. Ex Roem. & Schult.) T. D. Penn.** 2009. 53 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Farmacêuticas)-Centro de Ciências da Saúde, Universidade Federal de Pernambuco, Recife, 2009.

CRUZ, C. D. **Programa GENES, aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: Editora UFV, 2001. 648 p.

- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: UFV, 2012. 514 p.
- FERREIRA, C. A. et al. Utilização de técnicas multivariadas na avaliação da divergência genética entre clones de Palma Forrageira (*Opuntia ficus-indica* Mill.). **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 32, n. 6, p. 1560-1568, 2003.
- GARRIDO, M. S. et al. Características físicas e químicas de frutos de Quixaba (*Sideroxylon obtusifolium* Penn.). **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 20, n. 4, p. 34-37, 2007.
- GOMES, V. P. et al. Hyperspectral analysis in areas of Caatinga degraded in the municipality of Sertânia – PE. **Journal of Hyperspectral Remote Sensing**, Recife, v. 6, n. 1, p. 262-269, 2016.
- IMAÑA-ENCINAS, J. et al. **Contribuição dendrométrica nos levantamentos fitossociológicos**. Brasília: Universidade de Brasília, 2009. 46 p.
- LINS, H. A. et al. Produtividade e qualidade de frutos de melancia em função de alterações na relação fonte-dreno. **Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável**, Pombal, v. 8, n. 3, p. 143-149, 2013.
- LORENZI, H. **Árvores brasileiras: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil**. Nova Odessa: Plantarum, 2002. 368 p.
- LORENZI, H. et al. **Frutas brasileiras e exóticas e cultivadas (de consumo in natura)**. São Paulo: Instituto Plantarum de Estudos da Flora, 2006. 640 p.
- NASCIMENTO, V. T. et al. Chemical characterization of native wild plants of dry seasonal forests of the semi-arid region of northeastern Brazil. **Food Research International**, USA, . 44, p. 2112-2119, 2011.
- RAO, A. V. **Advanced statistical methods in biometrics research**. New York: Wiley: 1952.
- RÊGO, E. R. et al. Genetic diversity analysis of peppers: a comparison of discarding variable methods. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 3, n. 1, p. 19-26, 2003.
- RÊGO, E. R. et al. Phenotypic diversity, correlation and importance of variables for fruit quality and yield traits in Brazilian peppers (*Capsicum baccatum*). **Genetic Resources and Crop Evolution**, USA, v. 58, p. 909-918, 2011.
- RÊGO, E. R. et al. Quantitative and multicategoric descriptors for phenotypic variability in a segregating generation of ornamental Peppers. **Acta Horticulturae**, Belgium, n. 937, p. 289-937, 2012.
- SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, Washington, v. 30, n. 3, p. 507-512, 1974.
- SILVA, F. A. S. E.; AZEVEDO, C. A. V. A new version of the assistat-statistical assistance Software. In: WORLD CONGRESS ON COMPUTERS IN AGRICULTURE, 4., 2006, Orlando-FL-USA. **Anais...** Orlando: American Society of Agricultural and Biological Engineers, 2006. p. 393-396.
- SILVA, F. F. S.; DANTAS, B.F. Efeito da temperatura na germinação de sementes de *Sideroxylon obtusifolium* (Sapotaceae) de diferentes procedências. **Revista SODEBRAS**, Brasil, v. 8, n. 90, p. 40-43, 2013.
- SILVA, J. A. G. et al. Distância genética em genótipos de girassol. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v. 17, n. 3-4, p. 326-337, 2011.
- SILVA, K. B. et al. Caracterização morfológica de frutos, sementes e germinação de *Sideroxylon obtusifolium* (Roem. E Schult.) Penn. (Sapotaceae). **Revista Árvore**, Viçosa, v. 36, n. 1, p. 59-64, 2012.
- SILVA, K. B. et al. Variabilidade da germinação e caracteres de frutos e sementes entre matrizes de *Sideroxylon obtusifolium* (Roem. & Schult.) T.D. Penn. **Revista Eletrônica de Biologia**, São Paulo, v. 7, p.281-300, 2014.
- SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, India, v. 41, p. 237-245, 1981.
- TAIZ, L. et al. **Fisiologia e desenvolvimento vegetal**. 6. ed. Porto Alegre: Artmed, 2017. 858 p.
- VIANA, J. P. G. **Diversidade genética em alho (*Allium sativum* L.)**. 2013. 56 f. Dissertação (Mestrado)-Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2013.

Aprovado: 30 out. 2020  
Aprovado: 05 mar. 2021